

GenCore version 5.1.4\_p5-4578  
Copyright (c) 1993 - 2003 Compen Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on: April 26, 2003, 13:06:31 ; Search time 50 Seconds  
(without alignments)

1601.599 Million cell updates/sec

Title: US-10-027-000-2

Perfect score: 4391

Sequence: 1 MADIDVEALIKRLTLAEKVD.....DGVLRGKFFVGETYMGSGV. 833

Scoring table: BLOSUM62

Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched: 283224 seqs, 96134422 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 283224

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database: PIR.73:\*

1: PIR1:\*

2: PIR2:\*

3: PIR3:\*

4: PIR4:\*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

## SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	2052	46.7	845	1	GLVK
2	1445.5	32.9	818	2	A42292
3	1145	26.1	754	2	S04381
4	959	21.8	721	2	C72428
5	957	21.8	859	2	T35785
6	946.5	21.6	762	2	H87466
7	939.5	21.4	793	2	AF0341
8	874	19.9	758	2	D87369
9	860	19.6	735	2	JC5869
10	844.5	19.2	769	2	T51112
11	839	19.1	691	2	E70906
12	838.5	19.1	926	2	D83888
13	776.5	17.7	754	2	G90484
14	747	17.0	778	2	D72421
15	722	16.4	880	2	B45956
16	700	15.9	876	2	A45956
17	682.5	15.5	882	2	H82754
18	675.5	15.4	986	2	JC4825
19	642.5	14.6	765	2	AD0778
20	635.5	14.5	765	2	C64981
21	633	14.4	770	2	JC7728
22	628.5	14.3	765	2	C91006
23	625	14.3	743	2	D85850
24	625	14.2	743	2	D87386
25	609.5	13.9	764	2	F83431
26	609	13.9	806	2	D87627
27	593	13.5	825	1	GUHO
28	581	13.2	860	2	JC4939
29	572	13.0	763	2	D86136

30	566	12.9	763	2	JC4376	beta-glucosidase (
31	564	12.8	756	2	AD1422	beta-glucosidase h
32	547	12.5	740	2	H82807	beta-glucosidase x
33	546	12.4	727	2	AC0076	beta-glucosidase (
34	542.5	12.4	723	2	AG1662	beta-glucosidases
35	541.5	12.3	723	2	A11290	beta-glucosidases
36	518	11.8	773	2	T52390	beta-1,4-xylosidase
37	495.5	11.3	776	2	T49925	beta-xylosidase-11
38	491.5	11.2	792	2	T49983	beta-xylosidase-11
39	464.5	10.6	821	2	A49881	beta-glucosidase (
40	451.5	10.3	830	2	A44768	beta-glucosidase (
41	425	9.7	947	2	S08243	glucan 1,4-beta-gl
42	384	8.7	869	2	S24325	glucan 1,4-beta-gl
43	370.5	8.4	790	2	T49542	xylian 1,4-beta-xy1
44	350.5	8.0	798	2	T00131	xylian 1,4-beta-xy1
45	336	7.7	821	2	E87503	1,4-beta-D-glucan

## ALIGNMENTS

## RESULT 1

GLVK

beta-glucosidase (EC 3.2.1.21) precursor - yeast (*Kluyveromyces marxianus* var. *marxia*)

N:Alternate names: beta-D-glucoside glucosylhydrolase; cellobiase; gentiobiase

C:Species: *Kluyveromyces marxianus* var. *marxianus*, *Candida kefyr*

C>Date: 28-Dec-1987 #sequence\_revision 28-Dec-1987 #text\_change 28-May-1999

C/Accession: A29148

R:Raynal, A.; Gerbaud, C.; Francinques, M.C.; Guerinneau, M.

Curr. Genet. 12, 175-184, 1987

A>Title: Sequence and transcription of the beta-glucosidase gene of *Kluyveromyces fra*

A/Reference number: A29148; MUID:88210533; PMID:2835179

A/Accession: A29148

A/Molecule type: DNA

A/Residues: 1-845 <RAY>

A/Cross-references: GB:X05918; NID:92804; PIDN:CAA29153.1; PID:92805

C/Superfamily: beta-glucosidase

C/Keywords: glycoprotein; glycosidase; hydrolase; polysaccharide degradation

F:66,304,438,621/Binding site: carbohydrate (Asn) (covalent) status predicted

Query Match 46.7% Score 2052; DB 1; Length 845;

Best Local Similarity 47.2% Pred. No. 6.4e-132;

Matches 403; Conservative 152; Mismatches 269; Indels 30; Gaps 11;

QY	1	MADIDVEALIKRLTLAEKVDLAGIDFWHTKALPKHGVPSLRFTDGPNGVGRKFFNGVP	60
DB	1	MSKRDVEQLLELNODEKISLSAVDFWHTKRLERLGPVAVSDGNGIRGTRKFFDGPV	60
QY	61	AACPPCTSLGFTFNOITLEAGKMGKKAIAKSAHYITLPTINMORSLPGGPFESIGE	120
DB	61	SGCPNCTGLAFTFDRRLLETAGKMLAKESIAKNAAYILGPTINMORSLPGGPFESIFE	120
QY	121	DPLAGLGAALLRGISTGVOATIKHFLCNDERRRMVQSVTERALREIYALPQIA	180
DB	121	DPLAGLGAALLRGISTGVOATIKHFLCNDERRRMVQSVTERALREIYALPQIA	180
QY	181	VRSQPAFMTAYNGINGVSCSENPYKTLGMLKREKMGDGLNSDWGTSSTFAVAGL	240
DB	181	VKHANPCIMTAYNVKNGVSCSENPYKTLGMLKREKMGDGLNSDWGTSSTFAVAGL	240
QY	241	DLEMPGPRFEGELTKFNVSNGKPFIVH--IDQARVLOFV---KCAASGVTEGPE	294
DB	241	DLEMPGPRFEGELTKFNVSNGKPFIVH--IDQARVLOFV---KCAASGVTEGPE	294
QY	295	TVVNTPEALRLKRVNGEIVLLKNENYLPSSKKKTLVGNPAQATYHGGGSAALR	354
DB	295	TVVNTPEALRLKRVNGEIVLLKNENYLPSSKKKTLVGNPAQATYHGGGSAALR	354
QY	301	STNNKTRSDLLREIADSIYLLKNNNYLTSKERRQYHIGNAKAKSSGGSASMN	360
DB	301	STNNKTRSDLLREIADSIYLLKNNNYLTSKERRQYHIGNAKAKSSGGSASMN	360
QY	355	AYIAYTPPDGSKOLEPPTSTVAGATYTP-PILGEGCTPPDGP-----GMRFRVENE	407
DB	355	AYIAYTPPDGSKOLEPPTSTVAGATYTP-PILGEGCTPPDGP-----GMRFRVENE	407
QY	361	SYVVSPEYEGIVNKLGEKVDTVGAYVSKISIGLAESLIDAAFPADAENAGLIAKYSN	420
DB	361	SYVVSPEYEGIVNKLGEKVDTVGAYVSKISIGLAESLIDAAFPADAENAGLIAKYSN	420
QY	408	PPGPRNRQHIDELF---FTKTDMLHVDYHPRKAADT---WYADMEGTYYADECTYELG	460
DB	408	PPGPRNRQHIDELF---FTKTDMLHVDYHPRKAADT---WYADMEGTYYADECTYELG	460

```

Db 421 P--VERSEDEPFFVHTKYNBSNHLDFDKHEKVDPKNPFVLTGGVYQEDDYLFS 478
OY 461 IYVCGAKAYVDOLVONATKQVPGDAFFGSAATREELGRINLVKNGTYKKIEFGSAPT 520
Db 479 LOYVSSGFLYLNDELIDOKHNGEGRFCFGAGTKERKKLTKLKGQYANNRVEGSGPT 538
OY 521 YTLKDDTYVPGHSLRVGCKVYIDDOAEIEKSVLAKEDHOVYICAGLNADMETEGADRA 580
Db 539 SLVGEF--GAGGFOAGVYKAIDDEDEIRNAELAANKHDAVLLISLNGEMETEGIDRE 595
OY 581 SMKLGVDOLIAVAAANPNTVYVMTGTPEBMPWLDATPAVIOAWYGNMGNSIADV 640
Db 586 NMDLKRTEINELVRAVLKANPNTVYVNOGSTPEEPFMEEAVALVQAWYGNELGNALADV 655
OY 641 VEGDNPBGKLSLSEPKRLQDNPAFLNRTAGRTLEGEDVYGRYREFADKQVNPFG 700
Db 656 LYGDVVPNGKLSLSEPKRLQDNPAFLNRTAGRTLEGEDVYGRYREFADKQVNPFG 715
OY 701 HGLSTTFAFSLVSHKDGKLSVSKYKNTG-SVPGAQVQALVYKPLQAKINRPVKEL 759
Db 716 YGLSTTTELDIDSEKVIDDKIDISVDYKNTGDKFAGSEVQVYFSAALN-SKVSRRPYKEL 774
OY 760 KGFAPVELOPGETKAVTTEBOEKYVAAFEDEEDQWCEKGDYEVYSDSAAADGVALR 819
Db 775 KGFAPVELOPGETKAVTTEBOEKYVAAFEDEEDQWCEKGDYEVYSDSAAADGVALR 831
OY 820 KGFVGETYVWMSGV 833
Db 832 KEFVEKDLWKGL 845

```

## RESULT 2

```

A42292
beta-glucosidase (EC 3.2.1.21) - Agrobacterium tumefaciens
C:Species: Agrobacterium tumefaciens
C>Date: 10-Jul-1992 #sequence_revision 10-Jul-1992 #text_change 08-Oct-1999
C:Accession: A42292
R:Castle, L.A.; Smith, K.D.; Morris, R.O.
J. Bacteriol. 174, 1478-1486, 1992
A:Title: Cloning and sequencing of an Agrobacterium tumefaciens beta-glucosidase gene in
A:Reference number: A42292; MUID:92165721; PMID:1537792
A:Accession: A42292
A:Status: preliminary
A:Molecule type: DNA
A:Residues: 1818 <CAS>
A:Cross-references: GB:M59852; NID:g142221; PIDN:AAA22082.1; PID:g142222
C:Superfamily: beta-glucosidase
C:Keywords: glycosidase; hydrolase; polysaccharide degradation

```

```

Query Match 32.9%; Score 1445.5; DB 2; Length 818;
Best Local Similarity 40.5%; Pred. No. 1.7e-90;
Matches 334; Conservative 134; Mismatches 310; Indels 47; Gaps 19;
OY 6 VEAIIKLTIAEYVDLAGIDFMHTRKALPKHGVPISLRFDTGPGVGR-GTRFENGVAAPG 64
Db 2 IIDILDKMTLEEDYSLISGADFVTVIAIERLGVPKIKYVDGPGANGGSSLVGVSAGCT 61
OY 65 PCGTSLGISTNQTLLBAGKMKMKKAIASAHVILPTTINMORSPGLGFGESIGEDPPL 124
Db 62 PVAIALGATMDPELIERAGVALGQAKSGASVLLAPTVNIHRSGLNGRNEFECYSEDPAL 121
OY 125 AGGAALINGISTGVQATIKHFLCNDQEDRRMVOQSYTEBALREIYALPQIAVRS 184
Db 122 TAACAAYVINGVOSGVAATIKHFVANESEIEROTSSVDERTLREIYLPPEEEVAKKA 181
OY 185 QGAFMTAVNGINGVSCSENPXYLDMGLRKEMGMDGLINSDWYGTSTTEAVVAGLDEM 244
Db 182 GVAAYVSSVKNLNGTSTSEPMILLTVLREMGFDGVVSDMGFSHSTAKETINAGIDLDM 241
OY 245 PGPPRRGETLKNVNSNGPFIHVLDQARREVLYQVKKCAASGVTEGNETTVN--NTP 302
Db 242 PGPMRGRGKLVAAVREGVKAEVVASARILLILERV--GAFKAPDLAEHLLDPE 298

```

```

OY 303 TAALLRVNGEGVYLLKNENNVLPLSKK--KTLVGNPAKQATYHGGSAALRAYAVT 360
Db 299 DRALIROLGAEAGVALLKND--GVLPKASSPDQIAVIGNAASARVAGGSARIAAYTAS 357
OY 361 PFDLSKQLTEPPS--YTVGAYTT--VPTILGBOCLTPDGAQPMHVRVNEPPTGRNH 416
Db 358 PLEBIRALSNANSLRAVCCNNRLIDVSGE--MTVEFKG--KGFESRPVHVEY 412
OY 417 IDELF--TKTDMHLVDYHPRADTWYADMEGTYTEDECTYELGLVYCGTAKAYVD 473
Db 413 KGEFFWDLPSGDLADLADF-----SARMATATVPQGTGHIIGMTNAGLARLFVGD 463
OY 474 QIVVDAATKQVPPDAPFGSATREELGRINLVKNGTYKKIEFSAPATYLLKDDTYVPGH 533
Db 464 ELVYVDIDGKTKGSENEGTANSQORAVTGAARRRVAYE--EAKKASLDISINIC--- 518
OY 534 SLRVGCKVYIDDOAEIEKSVLAKEDHOVYICAGLNADMETEGADRAKMLPGVLDQIA 593
Db 519 ALRFVGEKPLGD--AGIAEAVETARKSDIYLLVGRGEMDTBGIDPDRLPGRQELIE 577
OY 594 DVAAANPNTVYVMTGTPEBMPWLDATPAVIOAWYGNMGNSIADVYFGDYNPSGKLSL 653
Db 578 AVAETNPNTVYVMTGTPEBMPWLDATPAVIOAWYGNMGNSIADVYFGDYPAGRLPQ 637
OY 654 SFEKRLQDNPAFLN---FRTAGRTLYGEDVYVGYRYEFADKQVNPFGHGLSTTPFA 709
Db 638 TFPKALTDNSAITDDPSIYPGDGHVRAEGIFVGRHNDTEIEPLFPFGSLGTTTFT 697
OY 710 FSNLSVS---HKDKLSVSLSVKNTGVPQAQVQALVYKPLQAKINRPVKELGFAKV 765
Db 698 WGAPOLSGTEMGADG--LTFTVDTYTNIGDRAGSDVQVYHS--PNARVERPPEKELBAFAL 755
OY 766 ELDPGETKAVTTEBOEKYVAAFEDEEDQWCEKGDYEVYSDS 810
Db 756 KLPAGTATVAVLKIAFRDL-ATFDVAGRFADAGAYELIVASA 799

```

## RESULT 3

```

S04381
beta-glucosidase (EC 3.2.1.21) B - Clostridium thermocellum
M:Alternate names: Cellulobiose B
C:Species: Clostridium thermocellum
C>Date: 07-Jun-1990 #sequence_revision 07-Jun-1990 #text_change 24-Nov-1999
C:Accession: S04381
R:Graebnitz, F.; Ruecknagel, K.P.; Seiss, M.; Staudenbuer, W.L.
Mol. Gen. Genet. 217, 70-76, 1989
A:Title: Nucleotide sequence of the Clostridium thermocellum bglB gene encoding therm
A:Reference number: S04381; MUID:89364694; PMID:2505054
A:Cross-references: EMBL:X15644; NID:g40666; PIDN:CAA33665.1; PID:g40667
A:Gene: bglB
A:Gene: bglB
C:Superfamily: beta-glucosidase
C:Keywords: glycosidase; hydrolase; polysaccharide degradation
F:2-754/Product: beta-glucosidase #status experimental <NMT>

```

```

Query Match 26.1%; Score 1145; DB 2; Length 754;
Best Local Similarity 31.9%; Pred. No. 4.9e-70;
Matches 270; Conservative 132; Mismatches 249; Indels 196; Gaps 15;
OY 4 IDEVAIIKLTIAEYVDLAGIDFMHTRKALPKHGVPISLRFDTGPGVGRGTRK-----FF 56
Db 3 VDIKTIQMTLEERKAGLCSGLDPMHTRKVPRLCIPSTIMTDPGHLRKQEDAEIADIN 62
OY 57 NGVPAACPCTSLGISTFNQTLLEBAGKMKKAIASAHVILPTTINMORSPGLGFGFE 116
Db 63 NSVPATCPPSAAGLCSMDRELVERVGAALGEEQAEVSLILGPGANIKRSPICGNFE 122
OY 117 SIGEDPFLAGAAALLRGISTGVQATIKHFLCNDQEDRRMVOQSYTEBALREIYALP 176

```

```

Db 123 YEPEDYLSSELASHIKVQSGVAGCLKHEAANNOEHRMTVDITVDEERTLEIFEAS 182
Qy 177 FOIAYRSDQAPAFMTATYNGINGVSCSENPRLDGMLEKEMCDGLMSDWYGTSTTEAV 236
Db 183 FENAKKARPMVAVVCAYKRLNGEYSENRKYLLETVLKENMMDHDFVYSDMCAVNDYRSG 242
Qy 237 VAGDLEMPGPPRFGEETLKFNVSNGKPFIVHIDORAREVLOFVKCAASGVTEGNETT 296
Db 243 DAGDLEMPRSHGITDKIVAEVSKGISENINRAVERILKVIIM-----ALENKENA 297
Qy 297 VNNPETAALLRKVNGEIVLLKNNVPLSKKKTLIVGPNAKOATYHGGGSAALRAY 356
Db 298 QYEDAHRLARQAAAESEVLLKNEDDYLPLKSGTIALIGAFVKRPYQSGSSHI--- 354
Qy 357 YAVPFDLSKQLETPSYTGATTVPPILGEOCLPBDGAPGRKRWVFNPEPTPRKH 416
Db 355 -----TPTR-- 358
Qy 417 IDELFETKTDHLYDYHPRKADTWYADMEGTYTEDECTYELGLVYCGFAKAYVDOLV 476
Db 359 LDDI-----YEIRK-----KAGAD----- 372
Qy 477 VDNATKQVPGDAFEGSATREETGRINLVKNTYFKLIEFGSAPTYTLKGTIVPGHSLR 536
Db 373 -----KNLVYSEGYR-----LENDGI----- 389
Qy 537 VGGCKVIDDOAEIEKSVALLAKEHOVITICAGLNDWETEGADRASMKLPGLDLDIADVA 596
Db 390 -----DEELINAKKAASSSDVAAYFAGLPDEYSEGGDRTHMSTPENONLLEAVA 441
Qy 597 AANPVTVMOTGPPEEMPMIDATPAVIAQVNGENETN-----SIADVFGDYNSGK 650
Db 442 EVQSIIVVVLINGSVEMHPIDKYSVLEALGGALGGRMRMCYSKSIY-----GK 494
Qy 651 LSLSPKRLQNPALNFRTEAGRTLYGEDVYVGRYRYEPAKQVNPFPFGHLSYTPPAF 710
Db 495 LAEPFVPLSHNPSTYLNPGEDDREYKEGELFVGRYRYDTGIPLEPFGHLSYTKFEY 554
Qy 711 SNLSYSHD-----GKLSYLSYKNTGSPGQVNOVLVYKPLQAKIRPVEIKGPAKVE 766
Db 555 SDISYDKKVDSDNITINVSAYKNGAKKEIVOLYVKDKVS--VRPEPEELKGFEFVE 613
Qy 767 LQPGETKAVTIEOEKYYAAYFDEERDQVCYEGDY-----EVIYSDSSAAKGVYA 817
Db 614 LNPGEKIVTF-TLDKRAFAIYNYQIKOMHVESGEFLLIGRSSRDIVLAKSVAVNSTVK 672
Qy 818 LRGKFTV 824
Db 673 IRKRFTV 679

```

## RESULT 4

```

C72428
beta-glucosidase (EC 3.2.1.21) - Thermotoga maritima (strain MSB8)
C:Species: Thermotoga maritima
C:Date: 11-Jun-1999 #sequence_revision 11-Jun-1999 #text_change 21-Jul-2000
C:Accession: C72428
R:Neelson, K.E.; Clayton, R.A.; Gill, S.R.; Gwin, M.L.; Dodson, R.J.; Haft, D.H.; Hickey
Garrett, M.M.; Stewart, A.M.; Cotton, M.D.; Pratt, M.S.; Phillips, C.A.; Richardson, D.;
C.M.
Nature 399, 323-329, 1999
A:Title: Evidence for lateral gene transfer between Archaea and Bacteria from genome seq
A:Reference number: A72200; MUID:99287316; PMID:10360571
A:Accession: C72428
A:Status: preliminary
A:Molecule type: DNA
A:Residues: 1-721 <ARN>
A:Cross-references: GB:AE001690; GB:AE000512; NID:94980496; PIDN:AAD35119.1; PID:9498050
A:Experimental source: strain MSB8
C:Genetics:
A:Gene: TM0025
C:Superfamily: beta-glucosidase

```

C:Keywords: glycosidase; hydrolase; polysaccharide degradation

Query Match 21.8%; Score 959; DB 2; Length 721;  
 Best Local Similarity 30.4%; Pred. No. 2.3e-57;  
 Matches 262; Conservative 130; Mismatches 280; Indels 190; Gaps 26;

```

Qy 6 VEAIIKLTLAEIVVDLAGIDF-----WHTKALPKHGVSLRPTDNGV 50
Db 4 IDEILSQLTTEERVKLVYGVGLPGFNGPNHSAVGAAGETHVPRLGIDPAFVADPAGI 63
Qy 51 R-----GTFKPNVPAACFPGCTSLGSTFNQTLLEEGKMMKKAIAKSAHVILGPTINQ 106
Db 64 RINPTRENDENTYTTAFPEIMASTWNMDLLEEGKAMGEVREYGVYDLAPAMNH 123
Qy 107 RSPLGGRGFESEIDPPLAGLAALIRIGTOSGYOATIKHPLCNDOEDRRMWOSIATE 166
Db 124 RNPICGRNFEYSEDPPLSEMASAFYQSGVGACIKHYAANNOETRRWVDTIYSE 183
Qy 167 RALREIYALFOIAYRSDQAPAFMTATYNGINGVSCSENPRLDGMLEKEMCDGLMSDM 226
Db 184 RALREIYALFOIAYRSDQAPAFMTATYNGINGVSCSENPRLDGMLEKEMCDGLMSDM 243
Qy 227 YGTYSTTEAVVAGLIDEMGPP-----RFGEETLKFNVSNGKPFIVHIDORAREVLOF 279
Db 244 YAGDNPVEOLKAGNDMIMPKAYQVNTERDELEEMALKEGKLESEVLEDECVRNILK- 302
Qy 280 VKKCAASGVTEGPE--TVNNTPTPT--ALLRKVNGEIVLLKNNVPLSKKKKT 333
Db 303 -----VLVNAFSPKGYRYSKPKDESHAEVAYEAGAGVLLER-KGVLPFDENTHY 353
Qy 334 LIVGPNAKOATYHGGGSAALRAYAVATPFDLSKQLETPSYTGAYTVVPPIIGEOCLT 393
Db 354 AVFGTQIEITIKGTGSGDTHPRYTISILBGIKE----- 387
Qy 394 PDGAPGRKRWVFNPEPTPRKHIDELFTKTMHLYDYHPRKADTWYADMEGTYTEDE 453
Db 388 -----RNKPFLEELASTYEEYIKR-----MRETEYKPR-TDWS- 420
Qy 454 DCTYELGLVYCGFAKAYVDOLVADNATKQVPGDAFEGSATREETG--RINLVKNTYFK 511
Db 421 -----GTVI-----KRLPENFLSEKEIKR-----AAKNDVAVVVISRISGSGYDR 462
Qy 512 KIEFGSAPTYTLKGTIVPGHSLRVGGCKVIDDOAEIEKSVALLAKEHOVITICAGLNA 570
Db 463 K-----PVKGDYFLS-----DDELELKITV--SKFEHQ-- 489
Qy 571 DWETEGADRASMKLPGLDLDIADVAANPNYVWOTGPPEM-PMIDATPAVIAQVNG 629
Db 490 -----GKVVVLLNIGSPIEVAASMRDLVDSILLVWQA 521
Qy 630 GNETGNSIADVFGDYNPSSGKLSLSPKRLQDNPAPL--NFRTEAGRTLYGEDVYVGR 686
Db 522 GQEMGRIVADVLGKINPSKGLPTTFPKQSDVPSPMTFPEPBDNORVRYEEDIVGVR 581
Qy 687 YVEPADKQVNPFPFGHLSYTPPAFSLNSVSHKDGKLSVLSVKNKTSVPGAOVQOLYVKP 746
Db 582 YDTFGVEPAYREYEGYSGYTKFEYKDLKLAIDETLRVSTYINTDRAKGEVSQYIYK- 640
Qy 747 LQAKIRPVEIKGPAKVE-LQPGETKAVTIEOEKYYAAYFDEERDQVCYEGDY 805
Db 641 APKGIKIDPKPQELKAFKIKLPLNPGSESEISLEIPLDLASFQDKE--WVESGEIYVR 697
Qy 806 VSDSSAAKGVVALRGKFTV-GE 826
Db 698 VGASSR---DIRLADIFIVEGE 716

```

## RESULT 5

```

T35785
probable beta-glucosidase - Streptomyces coelicolor
C:Species: Streptomyces coelicolor
C:Date: 05-Nov-1999 #sequence_revision 05-Nov-1999 #text_change 21-Jan-2000
C:Accession: T35785

```

QY 582 MKLPGLDQLIADVAANPNVVMQGTPEEMPWIDATPAVIQAMYGNETGNSIADVV 641

QY 642 EGDYNSGKLSSEPKRLDNP-----AFLNFRREAGR-----TLGEDVY 682  
DB 563 EGEVNSGRLAMTFPKSEDOAPRASPAPGAEQDAIDARAGOKAPIGFPYRYEGAA 622  
QY 683 VGYRYEFAADKDVNPFPGHGLSYTTFEAFNSLSVSHKDKLSVSLSVKNTGSPGAAQVQL 742  
DB 623 VGYRWFQAEKRRRLPYFGVGLSYTSFGYKMLKVEDGDG-LKVSFDVTNTGKVAADTPOU 681  
QY 743 YVPELQAATKINRYPKELGFAKVELOPGETKAVTIEQEKYVAAYTDERDDMCVKGXY 802  
DB 682 YVNSGQ-----RKAMRLAGQKVDLAPGETKRVTLNVEBRILADY-DTAKPGMTIAAGTY 736  
QY 803 EVIY 806  
DB 737 PLTY 740

RESULT 7  
AF0341  
probable beta-glucosidase (EC 3.2.1.21) [imported] - Yersinia pestis (strain CO92)  
C:Species: Yersinia pestis  
C>Date: 02-Nov-2001 #sequence\_revision 02-Nov-2001 #text\_change 27-Nov-2001  
C:Accession: AF0341  
R:Parkhill, J.; Wren, B.W.; Thomson, N.R.; Tibball, R.W.; Holden, M.T.G.; Prentice, M.B.  
deno-Tarraga, A.M.; Chillingworth, T.; Cronin, A.; Davies, R.M.; Davis, P.; Dougan, G.;  
Hill, M.; Rutherford, K.; Simmonds, M.; Skelton, J.; Stevens, K.; Whitehead, S.; Barrrell,  
Nature 413, 523-527, 2001  
A:Title: Genome sequence of Yersinia pestis, the causative agent of plague.  
A:Reference number: AB0001; MUID:21470413; PMID:11586360  
A:Accession: AF0341  
A:Status: preliminary  
A:Molecule type: DNA  
A:Residues: 1-793 <KUR>  
A:Cross-references: GB:AL590842; PIDN:CAC93037.1; PID:q15980775; GSPDB:GN00175  
C:Genetics:  
A:Gene: bg1B  
C:Keywords: glycosidase; hydrolase

Query Match 21.4%; Score 939.5; DB 2; Length 793;  
Best Local Similarity 28.7%; Pred. No. 5.8e-56;  
Matches 242; Conservative 125; Mismatches 266; Indels 211; Gaps 16;

QY 6 VEAIIKLTIAEKVDLAGIDF-----MHTKALPKHGYPSLFTDGPNGVR---- 51  
DB 31 IPSVIAMTLEKKAFFSGTGMNAEKVAGAASSTLAIPLGIPTLYFADGPGVRLGAG 90  
QY 52 ---GTRFPNGVPACFPCCGTSLSGTFNQTLLERAGKMKKEALAKSAHVILGPTIMQRS 108  
DB 91 PTGGEKRF---ATGFVSVAMAMATWDAIKRVGAGIGDEAKQYGVDLILGPAINQRI 146  
QY 109 PLGGRGESIGEDPEFLAGLGAALIRIGIOSTGYOATIKHFLCNDQEDRRMMYSIVTERA 168  
DB 147 PLNRNNEYTFEDPLNAINASTIDQMOTEGVAILKHAANNOETRRQIVETISDRA 206  
QY 169 LREIYALPFOIAYVDSOPGAFMTAYNGINGVSCSENPKYLDGMLRKEMGMDLIMSWMY 228  
DB 207 LHEIYFGFEAMKKAQPMWVMSYPSINQPSQNPWLKDVLRQMKRFGVMSDMYG 266  
QY 229 TYSTTEAVAGLDLMPG-----PPRRRGETLAKNNVSNKGFPIHYIDQARREV 277  
DB 267 VADVPASALKGNDLMPGGRTPDDSLFTPTNTPKDVLAALKSGELTODIDENINIL 326  
QY 278 QFVFKCAASVTENGPEFTYVNNPETAALLRKVGNIEGIVLLKNNNVLPKSKKKTLYG 337  
DB 327 NVVTK---THREFKNGDAAMPEYVDSALARQIADSMVLTKNDAAHLLPKAARVAAG 383  
QY 338 PNAQOATYHGGGSAALRAYAVPFDGLSKOLETPPSYTGAVYTVPIIGEOCTLPDGA 397  
DB 384 QNIDNFPYTGGSAAEVN---IDP-----KRLVTLPGGLNAGIALIRQIGDQAL----- 429  
QY 398 PGMRRVFNPEPPTPNQHOIDEFTTKDMLHLDYHPRKADTWYADMEGTYADEDCY 457

DB 430 -----DEPVND----- 436  
QY 458 ELGLVCGAKAYVDQILVYDNATKQVPGDAFFGSGATREETGRILNVKNTYKKEIEGS 517  
DB 437 -----ALTRA----- 441  
QY 518 APTYTLKDDTTPVGHSLVGGCKVYIDQAEIEXSVALAKEHDOYITCAGLNADMEEGA 577  
DB 442 -----AQOSDIALISGRSS---TEGA 460  
QY 578 DRASKKLEGLVDQILADYAAA-----NPNYVVMQGTPEEN-PWIDATPAYIQMYGNE 632  
DB 461 DRYSMAMPDEYAMTKKVAASAFHQKKVYVLLNLSGSIEMTSWQYADALLTWMQPEQ 520  
QY 633 TGNSTADYVFGDNPNSGKLSSEPKRLDNPALFNFTREAGRTTIGEDVYGYRYEFAD 692  
DB 521 AGNAYADIIIGKVNPSGKLPLTFPKRLDSDSPFGYPPGNATVYIGESITGYRFDKR 580  
QY 693 KDYNFPFGHLSYTFEAFNSLSVS-----HKDKLSVSLSVKNTGSPGAAQVQLYKP 746  
DB 581 IAPWYFPGYLSYTVNGKLSPEKRVENIDTENSIEVSPRNTSGIDTREVQVLYVD 640  
QY 747 LQAAKINRVRKELGFAKVELOPGETKAVTIEQEKYVAAYFDERDDMCVKGDEYEVY 806  
DB 641 -NASRLDREQELKAEKVSLSAGEKRYAF-KIDKRAFSTYDEKNNMVLDEPLTLRI 698  
QY 807 SDSS 810  
DB 699 GRSS 702

RESULT 8  
D87369  
beta-D-glucosidase [imported] - Caulobacter crescentus  
C:Species: Caulobacter crescentus  
C>Date: 20-Apr-2001 #sequence\_revision 20-Apr-2001 #text\_change 10-May-2001  
C:Accession: D87369  
R:Nierman, W.C.; Feldblyum, T.V.; Paulsen, I.T.; Nelson, K.E.; Eisen, J.; Heidelberg,  
B.; Laub, M.T.; DeBoy, R.T.; Dodson, R.J.; Durkin, A.S.; Gwinn, M.L.; Haft, D.H.; Ko  
n, J.; Ermolaeva, M.; White, O.; Salzberg, S.L.; Shapiro, L.; Venter, J.C.; Fraser, C  
Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 98, 4136-4141, 2001  
A:Title: Complete Genome Sequence of Caulobacter crescentus.  
A:Reference number: AF7249; MUID:21173698; PMID:11259647  
A:Accession: D87369  
A:Status: preliminary  
A:Molecule type: DNA  
A:Residues: 1-758 <STO>  
A:Cross-references: GB:AE005673; NID:q13422248; PIDN:AKK22952.1; GSPDB:GN00148  
C:Genetics:  
A:Gene: CC0968  
C:Superfamily: beta-glucosidase

Query Match 19.9%; Score 874; DB 2; Length 758;  
Best Local Similarity 29.7%; Pred. No. 1.6e-51;  
Matches 257; Conservative 102; Mismatches 286; Indels 220; Gaps 23;

QY 2 ADIDVEAILKLTIAEKVDLAGI-----DFMHTKALPKHGYPSLRF 43  
DB 49 ADKRAADVILKAMTNDKFTLIGYFGADMKPYTRIPESLPSAGYIAGVPRIGIAPQFO 108  
QY 44 TDGPNQVR---GTRFPNGVPACFPCCGTSLSGTFNQTLLERAGKMKKEALAKSAHVILG 100  
DB 109 TDAGVAVATQGSAKERF--ERTALPBGAMTTATWNEELAFQGGAMIGKARDSGFNOLA 166  
QY 101 PTINMGRSPUGRGESIGEDPEFLAGLGAALIRIGIOSTGYOATIKHFLCNDQEDRRMY 160  
DB 167 GGVNLVREPRNGRNFETYGEDPLLAGVMAADIRIGIOSTNNITSTIKHYALNQEGRFV 226  
QY 161 OSIATERALREIYALPFOIAYVDSOPGAFMTAYNGINGVSCSENPKYLDGMLRKEMGMD 220  
DB 227 SSNIIDTJARMSDQLAFQEAIBQSDPHSYWCAVNRVNSYACESDMLNTVLTKDMGYKG 286  
QY 221 LIMSMDYGYISTTEAVVAGLDLMPG-----PPRRRGETLAKNNVSNKGFPIHYIDQARREV 276



QY 806 VSDS 809  
|  
|

DD 414 INFN  
OY 577 ADRA\$MKLPGVLELDOLADVAANPNTVVNMOTGTPEEMPMDLATPAYLOAWGGENETGNS 636

Db 441 FDSADSLPGQDALLIAVVASANNNTVYLETGHPVTMPMWSVNAIMQAMYPQAGGQA 500

QY 637 IADVEGDYVNSGKLSLSPKRL-----ODNPAFLNRTAGRTL-YGEDVYGYRYEFA 691  
 Db 501 VAEIVAGVNPGRPLPITPPVDLGGPRRSGPPELGAIPMTSTIHTTEADVGRFEAST 560  
 QY 692 DKRYVNPFGHGLSYTTFASNLVS--HKDGKLSVLSVKNKTSVPAQVADLVYKPLDA 749  
 Db 561 NQPMFAFGHGLSYTTFEYRDLVTVGGH--TVHASFSVTNTGDRSGADVPQLYM-----I 613  
 QY 750 AKINRVEKELGFAKVELQPGETKATIEGEEKYAAAYDEDERDQMCVEKGYEIVYSDS 809  
 Db 614 AAFGEERLKLGFERYELEPGOTRRVRIEADPLRLARY-DGEARSRIEPPGGYTVAAVAGS 672  
 QY 810 S-----AARDGVALRG 820  
 Db 673 AVALKLAARVAKLAGRG 688

## RESULT 12

glucan 1,4-beta-glucosidase BH1908 [imported] - Bacillus halodurans (strain C-125).  
 C:Species: Bacillus halodurans  
 C:Date: 01-Dec-2000 #sequence\_revision 01-Dec-2000 #text\_change 15-Jun-2001  
 C:Accession: D83888  
 R:Takami, H.; Nakasone, K.; Takaki, Y.; Maeno, G.; Sasaki, R.; Masui, N.; Fujii, F.; Hira  
 Nucleic Acids Res. 28, 4317-4331, 2000  
 A:Title: Complete genome sequence of the alkaliphilic bacterium Bacillus halodurans and  
 A:Reference number: A83650; MUID:20512582; PMID:11058132  
 A:Accession: D83888  
 A:Status: preliminary  
 A:Molecule type: DNA  
 A:Residues: 1-926 <STO>  
 A:Cross-references: GB:AP001513; GB:BA000004; NID:g10174345; PIDN:BA05627.1; GSPDB:GN00  
 A:Experimental source: strain C-125  
 C:Genetics:  
 A:Gene: BH1908

Query Match 19.1%; Score 838.5; DB 2; Length 926;  
 Best Local Similarity 27.3%; Pred. No. 5.9e-49;  
 Matches 241; Conservative 163; Mismatches 311; Indels 169; Gaps 32;

QY 3 DIDEVAILKLTLAEKVDLAGIDFWHTKALPKHGVSLSRPTDGPNGVGRGTFNGVPA-62  
 Db 18 DERVSIYSELTLDEKIRLMC-----QVQEAIVPRIGIG--KKHGTBGAHVAMIG--KAT 69  
 QY 63 CEPCTSLGTFNQTLEAEAKMMKKAIA-----KSAHVILGPTINQSRPLGGRGF 115  
 Db 70 VFPPNIGLGTWNEELMKKIDVIAEERARYYOENPQNGILTIPVDMERDPRMGRT 129  
 QY 116 ESIGEDPPLAGLGAALIRGIGS-----TGVOATIKHFLCNDODRDMQSVITERALR 170  
 Db 130 EAYGEDPPLIGKLTTELKMGQGHFFYLKATILKHFLLANNDEARTCECSVIDPRNLR 189  
 QY 171 EYIALPOIAVRDSQCAFMTAYNGINGSCSENPKYLDMLRKEMWDGLIMSD----- 225  
 Db 190 EYILKAEPQYKEGHVOCVMTAYNAVNGTLCNNMPD--VNLILKEEMGLQGFVSDADCV 248  
 QY 226 -----WGYTSTTEA--VYAGLDLEMPRPFRRTGTLFVNSNGKPFTH----- 267  
 Db 249 GSVUDHOFVESIYAAVALSTKNGID-----NYTDEKIIHRAIGDALEQ 292  
 QY 268 -----VIDORAREVLOFVKCAASGVTENGPEETVNN-----TPETAALLRKVNGGIYL 317  
 Db 293 GLTSEEDLDQALKRVFRVRIEFGEDENKNPATYAKELCAPHEISELALQAKRAIYL 352  
 QY 318 LKNNNNVLPISKKKKTLIVPNKQ--ATYHGGSAAALRAYAVTPEPDGLSKOLETPPSY 375  
 Db 353 LKND-DLPLSPKRYAVIPLANEITYDMYSGTP-----YTISPLEGIMQKANPVLX 406  
 QY 376 TVGAYTTVPVILGQCITPDGARGMRRVNEPPGPNRHOHIDELFFYTDMLVDYYP 435  
 Db 407 A-----DGSRIRLREAMSGNGIYAEAGSOL--TCHDGGGTFEFT 446

QY 436 K---AADTWYADMESTYT--ADEDCYTELGIVCGTAKAYVDOLVVDNATKQVPGDAF- 489  
 Db 447 DMGWSFELQSOQSKYVTLNDEGVLANALEVKGW--FVKELLAMEENDHEVTLHTWD 503  
 QY 490 FGSATREETGILINLVKNGTYFKKIEFGSAPTYTLKGTIVYGHGSLNAGGCKVDDQAE- 548  
 Db 504 RQVRKRDSERLS-VNGE-----NDCSLVKDIYER 532  
 QY 549 -IEKSVALAKHDVITICAG---LMDWETEGADRSMKLPGLDOLIAVVAANPNTV 603  
 Db 533 GIDDAVEAKQADPAVYVFGNQPYING--KECVDRBDLALPRAQRLIEBVKVNNNTV 589  
 QY 604 VVMQGTPEEMPWL-DATPAVIAQWAGNENGSIAVYVGDVNPSSKLSLSPKRLQDN 662  
 Db 590 VVIYGSTPYITPWKVENPALVTYAHGQGEFRVAVSVLGEDVNPAGRLMWTYLSANOL 649  
 QY 663 PAFINFRTEAGRTLGYEDVYGYRYEFAADKDVNFPFGHGLSYTTFASNLSSHDKGL 722  
 Db 650 PDMDY-----DIKGRKTYGFEDDVLVYPRGHLSYARSYDHLQI-QKTNVL 697  
 QY 723 SVSLSTVNTGTSVPAQVADLVYKPLQAKINRPYKELGFAKVELQPGETKAV--TIEG 780  
 Db 698 TVSATITNTSHLDGEVYQLYVR-CQTSRVKRLPLKTLGKRRIMIRKGEQKVYTFLEPE 756  
 QY 781 EKYVAAVFEDEERDQMCVEKGYEIVYSDS---AARDGVALRG 821  
 Db 757 E---LAIWDVYTRERYCYEGQMTIMLGRSSKDIQLEETIELEGE 797

## RESULT 13

beta-xylosidase [imported] - Sulfolobus solfataricus  
 C:Species: Sulfolobus solfataricus  
 C:Date: 24-May-2001 #sequence\_revision 24-May-2001 #text\_change 27-Nov-2001  
 C:Accession: G90484  
 R:She, Q.; Singu, R.K.; Confalonieri, F.; Zivanovic, Y.; Allard, G.; Aweez, M.J.; Ch  
 Jong, I.; Jeffries, A.C.; Kozera, C.J.; Medina, N.; Peng, X.; Thi-Ngoc, H.P.; Redder  
 arrett, R.A.; Ragan, M.A.; Sengen, C.W.; Van der Oost, J.  
 submitted to Genbank, April 2001  
 A:Description: Sulfolobus solfataricus complete genome.  
 A:Reference number: A99139  
 A:Accession: G90484  
 A:Status: preliminary  
 A:Molecule type: DNA  
 A:Residues: 1-754 <KUR>  
 A:Cross-references: GB:AE006441; NID:g13816430; PIDN:AAK43134.1; GSPDB:GN00155  
 C:Genetics:  
 A:Gene: SSO3032  
 C:Superfamily: beta-glucosidase

Query Match 17.7%; Score 776.5; DB 2; Length 754;  
 Best Local Similarity 26.4%; Pred. No. 7.4e-45;  
 Matches 242; Conservative 129; Mismatches 271; Indels 273; Gaps 29;

QY 6 VEAIIKLTLAEKV-----DLAIGIDFWHTKALP--KHGVSLSRPTD-----PN 48  
 Db 4 ISLNQMSIEEKIAQOLAIPDALMEGKEFSEKARXYLKGIOITRVAGSRLGLPK 63  
 QY 49 GYRGTFEN-----GVAPCFPGCTSLGTFNQTLEE 81  
 Db 64 EV--VKLVKVKQFLVENTRLKIPATIHBECLSGLMGSSPAFPAIGLASTWPELTTN 121  
 QY 82 AGKMKGKRAIAKSAHVILGPTINMQRSPGGRGSEIDEPFLAGLGAALIRGIG--STG 140  
 Db 122 VASTIRSGQRLIGNOCISPLVDCRDRPMGRCETYEDEYIVLASKOLAITYTGQSTQ 181  
 QY 141 VQATIKHPLCND-QEDRRMAVOSIYTERALBEYALPQIAVRDSQCAFMTAYNGINGV 199  
 Db 182 LVATAKHFAAHGFPBGGINIAQVHVGNNRELETFEPPEVAVKIGKVMIMPAYHEIDV 241  
 QY 200 SCSENPKYLDGLRKEMWDGLIMSDY-----YSTTEAVV-----AALDLEMP 245  
 Db 242 PCHGNPQLLITNLROEMGFQDGIIVSDIDGIRQLEAIHKVANSKMEALIALESVDIEFP 301



Db 12 EVRVLDLISRMILEEKVAQGSV--WGVELIDERGKFSREKAKELLKNGIQITRPGSGT 69

QY 49 GV---RGTFNFN-----GVPA---AC-----PPCGISLGSFTNQT 78

Db 70 NLEPDEAAELVEIQRFLVEETRLGIPAMIEHECLTGMGLSGTNPQALAMASTMDPL 129

QY 79 LEEAGMMKEKEMIAKSAHYLTGPTINMORSPLGGRGFESIGDEPPFLAGLGAALIRGIG 137

Db 130 IRTKMTTAAVEDMRKIGAHGCLAPVLVDYARDPRNGRKEETFGESPIYLAIRMGVSIVKGLG 189

QY 138 ---STGVQATIKHFL-CNDQEDRRMVQSIIVTERALREIYALPFOJAVRDSQPAEMTAY 193

Db 190 EDIKKGVAIVTFKHAGYSASSEGKKNMPTNIPEREKEVLPFPEEAIVKAAVNTSVNMSY 249

QY 194 NGINVSCEGNKRYLDGMARKEMGMDGLMSDYG-----1YSTEAVVAG 239

Db 250 SEIDGPPCANRKLTLDIRKDMFEGEIVSDFAVAVLEDIYRIARDKSEAKRLALEAG 309

QY 240 LPLEMGPREFGETELKFNVSNGKPFIVHVDQAREVLOVFKCAASGVENPPTVNN 299

Db 310 IDVELPKTCTY--QYIKDLVEKGIIEALIDEAVTVLRK---FMILGLEN-PIYVEVK 363

QY 300 T--PETAALLRRVNGEIVLKNENNVLPLSKKKKTLIVGPNKQATYHGGSGSALRAY 357

Db 364 AKTESHRDIALEIARKSIILKND-GILPLOCKKKVALLIGNAGE----- 407

QY 358 AVTPEDGLSKOLETPPSTYVGATTPPILIGEOCLLPDGAIPGRKRVFNPPGTPNQH 417

Db 408 -----VRNLLGDVMTL-----AHI 421

-QY 418 DELFPTKTDMLVDYVHPKAAADTWYADMEGTAYADECTYELGLVVCSTAKAVDDQLV 477

Db 422 RALLDNIDV----FQNPQIPRENYERLKS-----I 449

QY 478 DNATQVPS--DAFEGSATRETGRINLVKGNTRYKKEIEGSAPTYTLKGTIVPGHSL 535

Db 450 EEHMKSIPVLDLF-----KEEG-----IEFEYAK----- 474

QY 536 RRGGSKVI--DDQAELEKSAVALKEHDVLIIC---AGLNDMWT-EGADASAKMLPEVLD 589

Db 475 ---GCEVIGEDSGFEAELEIAKSDVAIVVGDKSGLLTCTTGESRDMANLPLPVOE 531

QY 590 QLIADVAANPTVVVMQGTPEEMP-WLDATPAVIAQAWYGNMGTSIADVYFGDYNPS 648

Db 532 ELVLEAKGKRVVLTLLITGRPSLKNVYDKVALLIQWMLPGAGGAIYDIIYKGVNPS 591

QY 649 GKLSISFPRLODNPALFNRTEAGRTLYGEDVYVGRYIEFADKDVNPFPGRLSTTP 708

Db 592 GKLPISFPRSAQOIPVFEHVKPSGGSHMGD-----YDESTKPL-PFPGCLSTYKF 644

QY 709 AFSNLSVSHKD---GKLSVLSYKNTGVSVPQOVQOLYKPLQAKINNPVELKGEAF 764

Db 645 EYSNRIEKEKPPPACEVVIKVDVENIGDRDGEVQOLI-GREFASVTPZYVELKGFKR 703

QY 765 VELQGETKAVTIEQEKVAAYFDEERD-QWCVEKGDEVIYSDSSAAKDVALRGKFT 823

Db 704 VSLAKKEKTTVFRLLMDVLAY---NRDMKLVEGEFQVWGSSS---EDIRLTGSFS 757

QY 824 -VGE 826

Db 758 VVGE 761

RESULT 15

B45956

beta-glucosidase (EC 3.2.1.21) 2 precursor - yeast (Saccharomycopsis fibuligera)

C:Species: Saccharomycopsis fibuligera

C:Date: 30-Sep-1993 #sequence\_revision 30-Sep-1993 #text\_change 24-Sep-1999

C:Accession: B45956

R:MacHida, M.; Ohtsuki, I.; Fukui, S.; Yamashita, I.

Appl. Environ. Microbiol. 54, 3147-3155, 1988

File: Nucleotide sequences of Saccharomycopsis fibuligera genes for extracellular

A: Reference number: A45956; MUID: 89133518; PMID: 3146949  
 A: Accession: B45956  
 A: Status: preliminary  
 A: Molecule type: DNA  
 A: Residues: 1-880 <MAC>  
 A: Cross-references: GB:M22476; NID: 9170809; PIDN: AAA34315.1; PID: 9170810  
 C: Superfamily: beta-glucosidase 1  
 C: Keywords: glycosidase; hydrolase; polysaccharide degradation

Query Match 16.4%; Score 722; DB 2; Length 880;  
 Best Local Similarity 24.5%; Pred. No. Se-41;  
 Matches 243; Conservative 118; Mismatches 267; Indels 362; Gaps 33;

```

QY 7 EALTKLTAEKVDLAGIDFW-----HTKALPKHGVSLRFTDGPNGVGRKFEFNGV 59
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 64 KALVSOMTIVEKYNLTGTG-WOLGFCVNTGVSVPREGIPNLCLODGPLGLTDEFTG- 121
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 60 PAACPCGTSLSSTENOTLLEAGKMKKEAIKSAHVILGPTINMQRSP-----GGRG 114
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 122 ---YPSGMATGATFNKDLFLRGQALGHEFNKGVHIALGPAY---GPLGVKARGRN 173
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 115 FESIGDPPFLAGAALRGISGTGQATIKHFLCNDQEDRRM----- 158
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 174 FEAFGSDPYLOGTAAATIKGLQENNVMAVCVHFIENEDYIKOPSNSKVDEPDATKE 233
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 159 MVQSIATERALREIYALPQIAVRDSQPGAFMTAYNGIVSCSENPKYLDGMLRKEMGW 218
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 234 SIANIPDRMHMLYIMLPFADSR-AGVSVYSCSYNRVNTYSCENSYMINHLKEELGF 292
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 219 DGLIMSDMTGTSTEAVALDLEMPG-----PRRGETLKENVSNCKPFIHVID 270
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 293 QGFVVDMAQMSGAYSALSGLDMSMPGELGWMNTGKSYGQNLKAVYNETVPIERLD 352
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 271 QRAREVL-----QFVKCAASG--VTENGPEFTVNN-----TP 301
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 353 DMATRLIALLYATNSPPTDRLPNSSFTTKEYGNEFEVDKTSVYKVNHFVDPSSNDTE 412
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 302 ETAAALRYKNEGIVLLKNNVPLS--KKKTLI-----VGPNAK-----QAT 344
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 413 DFLAL--KVAEESIVLLKNEKNLPISPNKKVRLILSGIAGDPDRGECSDQSCVDGAL 469
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 345 YHGGSAALRAY--YAVTPPDGLSKOLETPPSTYTGAVTVPPIIGEOCLTPDGAPGRW 402
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 470 FEGWGGSGSV-GYPKYQVTFEEISA----- 493
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 403 RVNENPPGPNRHOIDELEFTKDMHLVDYIYHKADTWYADMECTYTADDECTYELGV 462
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 494 ---NAKKNMQFDYIRESF-----DLTOYSTVASDRAHMSIVV 528
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 463 VCGTAAAYVDOLVVDNATKQVPGDAFPGSATREETGRINLVKNTYKFKIEGSAPTYT 522
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 529 SAVSGEY---LIID-----GN----- 542
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 523 LKGDITVPGHSLRVGGCKVIIDDAIEKSVALKAEHDOYIICAGLADMETEGADRASM 582
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 543 -RGD-----KNNVTL-----WHNS----- 555
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 583 KLPGVLDOLADVAANPTVYVM-OTGTPPEEPMLDATPAVIAQWYG--GNETGNSIAD 639
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 556 -----DNLKAVAEKANTVYVITSTGOVDVESFADHPNVTALYVAGPLGDRSGTALAN 609
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 640 VVEGDYNPSSGLSLSPFKLQDNPAFLNFTENG---RTLYGEDVYVGYRYEFPADKV 695
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 610 ILFGNPNPSGHLPTVAKSNDDYIPVYTNPRGPEDENTLAHEDLDVDRYFEKNIETP 669
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 696 NPFPGHGLSTYTFASNLVSH----- 717
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 670 RYAFGGLSYNEYKVSNAKVADEELPQKLYLAESYNTKEEINNPEDAEPFSSNA 729
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 718 -----KDGK-----LSYSLV 728
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 730 RRIQEFLLPYLDNSNVLKQDNTEYPDGYSTBOQTPIQPGGLGNDALMEVAYKVEVDV 789
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

```

QY 729 KNTGSVPGAOVALYVPLQAAKINRPYKELKGFAYELOPGETKAVTIEOEKYAAVF 788
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 790 QNLGNSDCKFYPQLYLKHPEDEGKFEETPY-QLRGPEKVELSPGEEKYVEFLRRDLSTM- 847
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 789 DEERDQKVEKGYDEVIYSDSSAAKDVYL 818
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 848 DTRQSWIVESGTYEALI-----GVAV 869
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

Search completed: April 26, 2003, 13:10:42  
 Job time : 56 secs